



ALTERAÇÕES NA COMPOSIÇÃO BACTERIANA APÓS CICLOS DE DRENAGEM E ALAGAMENTO EM SOLO DE ALTO CARBONO

Flávia Caroline Gan, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Susiane Paloma Haugg, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Luiz Fernando Würdig Roesch, docente, Universidade Federal do Pampa

flaviagan.aluno@unipampa.edu.br

O microbioma do solo apresenta uma enorme diversidade de espécies de bactérias, fungos e vírus. É um dos principais determinantes da qualidade do solo para a agricultura e estudá-lo e entendê-lo é de extrema importância para contribuir com o aumento da produtividade agrícola. Um dos alimentos mais consumidos no mundo é o arroz (*Oryza sativa*), totalizando cerca de 600 milhões de toneladas ao ano e sendo o terceiro alimento mais cultivado no mundo. A técnica de cultivo mais comum no Brasil é a do arroz irrigado, compreendendo cerca de 80% da produção total do país. Essa técnica se consiste em deixar uma lâmina de água sob o solo durante todo o crescimento da planta, sendo drenado somente alguns dias antes da colheita. Com isso, em um período anual o solo passa por diversas mudanças entre drenagens e encharcamentos, mudando as condições ambientais e a quantidade de oxigênio disponível para os microrganismos, logo, essas mudanças de ambiente podem gerar alterações nas comunidades bacterianas do solo e assim, interferir na produtividade do arroz. Para entender como essas variações afetam a composição bacteriana do solo, foi realizado um ensaio in vitro em um solo com alta concentração de carbono, ou seja, alta oferta de matéria orgânica para o metabolismo microbiano, usando somente as condições de solo alagado e solo drenado como agentes de interferência. Foram utilizadas no presente estudo quarenta e quatro amostras de solo, organizadas em triplicata, que foram submetidas a cinco ciclos de alagamento e seis ciclos de drenagem, por um período de onze meses com duração de trinta dias para cada ciclo. O DNA microbiano foi extraído e as sequências do gene 16S bacteriano foram amplificadas, purificadas e sequenciadas. Os dados obtidos do sequenciamento foram processados e após, analisados no software estatístico R. As sequências foram submetidas à rarefação com base no menor número de sequências de uma amostra. A alfa diversidade foi analisada utilizando o índice de similaridade de Shannon e o teste não-paramétrico de Kruskal-Wallis foi empregado para identificar se a diferença na composição era estatisticamente diferente juntamente com o Teste de Dunn com correção de Bonferroni para encontrar diferenças entre os ciclos. Para analisar as modificações da composição ao longo do tempo, as amostras foram submetidas a análises de abundância com base transformação da razão logarítmica central (clr). Ao total, foram obtidas 1,045,471 leituras após o processamento do sequenciamento. O resultado obtido na análise de diversidade alfa mostrou variações apenas nos dois primeiros ciclos, que correspondem a drenagem e alagamento respectivamente. Após o terceiro ciclo (drenagem) a diversidade bacteriana se manteve estável nos ciclos seguintes, com poucas variações. O valor do índice de Kruskal-Wallis obtido de 0.0004 ($p < 0.001$), indica que há variações estatisticamente significantes na composição microbiana ao decorrer dos ciclos. Empregando o Teste de Dunn, observou-se que essa maior variação se encontra na comparação do ciclo 1 vs. ciclo 11 ($p = 0.0044$) e do ciclo 2 vs. ciclo 11 ($p = 0.0040$). Também foi possível observar a presença de trinta e oito filos que mostraram uma abundância com tendência de estabilidade ao decorrer dos ciclos de drenagens e alagamentos. Os cinco filos que apresentaram maior abundância total foram: *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Acidobacteria* que após o segundo ciclo mostraram uma diminuição na abundância, além de *Proteobacteria* que apresentou queda até o ciclo quatro e após, estabilidade e o filo *Actinobacteria* que apresentou maior estabilidade ao longo dos ciclos. Também foram observados três filos que mesmo possuindo uma baixa abundância nos dois primeiros ciclos, obtiveram um aumento expressivo na sua abundância, sendo eles: *Nanoarchaeaeota*, *Omnitrophicaeota* e *Patescibacteria*. Os resultados prévios obtidos indicam que as comunidades microbianas sofreram maiores alterações de riqueza de diversidade nos dois primeiros ciclos em comparação com o último ciclo, mas as observações de filo mostraram pouca variação nas comunidades bacterianas ao longo

do tempo, indicando uma boa capacidade adaptativa em um solo em que há alta oferta de nutrientes e matéria orgânica, após sucessivos ciclos de alagamento e drenagem.

Agradecimentos: CNPq e UNIPAMPA.

Palavras-chave: Microbioma do solo, *Oryza sativa*, Sequenciamento de Nova Geração.